中国土壤微生物领域研究现状与前沿热点分析

赵丽丽[1]，张新民[2]

（1. 浙江大学 图书馆，杭州 310027；2. 浙江大学 控制科学与工程学院，杭州 310027）

摘 要：[目的/意义]土壤微生物是土壤最活跃的组成，关乎土壤生态系统的健康。因此摸清土壤微生物研究领域的热点、前沿及趋势，有助于科研人员把握选题内容及方向。[方法/过程]以CNKI中国学术期刊收录的2010年至2019年土壤微生物的核心期刊文献为分析对象，应用CiteSpace V软件分析发文作者、机构及期刊的分布特点，并绘制关键词共现、突现词分布及关键词突现术语时线图的知识图谱。[结果/结论]每年中国土壤微生物相关文献量均达到400篇以上，该领域研究持续保持较高热度。以西北农林科技大学和中国科学院大学为核心的重点研究单位，以沈其荣、杨殿林、毛志泉为核心的三大作者群，为该领域发展做出了突出贡献。研究热点随时间推进有所演变，统分为四大模块：第一，间接反映土壤微生物的指标（土壤酶活性，土壤呼吸，土壤微生物量碳、氮）；第二，研究方法的成熟发展（磷脂脂肪酸、变性梯度凝胶电泳、Biolog-ECO技术、高通量测序）；第三，土壤微生物的直观表征（微生物群落结构及功能多样性）；第四，影响因素的探究（土壤类型及土地利用方式、施肥、农作物、氮沉降、生物炭）。高通量测序等分子生物学方法及系统生物学方法的应用、生物炭开发利用和氮沉降影响及改良措施研究作为前沿应被持续关注和深入探讨。

关键词：土壤微生物；CiteSpace；研究热点；前沿趋势

中图分类号：G353.1；S154 文献标识码：A 文章编号：1002-1248（2022）02-0075-13

引用本文：赵丽丽，张新民. 基于中国土壤微生物领域研究现状与前沿热点分析[J]. 农业图书情报学报，2022，34(2)：75-87.

1 引 言

土壤中的微生物数量巨大、种类繁多，是联系不同圈层物质与能量交换的重要纽带，被称为地球关键元素生物地球化学循环过程的引擎，微生物是土壤最活跃的组成，是评价土壤健康的关键生物指标[1]。土壤微生物参与了土壤发生、发展、发育的全过程，土壤微生物在维持生态系统整体服务功能方面发挥了重要作用，被比拟为土壤养分元素循环的“转换器”、环境污染物的“净化器”、陆地生态系统稳定的“调节器”[2]。

首先，土壤微生物对土壤肥力形成与演变具有重要意义，土壤生物学性状（土壤微生物种群、群落结构及功能群、微生物量、酶活性等）可以反映土壤质量、土壤肥力的演变。其次，土壤微生物对温室气体排放与控制具有重要意义，大气温室气体的动态变化

收稿日期：2021-01-24

基金项目：浙江大学国家重点实验室青年人才项目（ICT2021A14）

作者简介：赵丽丽，女，硕士，浙江大学图书馆，研究方向为农学文献计量分析、读者服务咨询。张新民（1986-），男，博士，硕士生导师，研究方向为大数据分析与深度挖掘

与土壤生物过程紧密相关，仅湿地和水稻田产甲烷菌引起的 CH_4 排放约占全球总排放量的 1/3，而农田施肥导致的 N_2O 排放量约占全球年总量的 75%。第三，土壤微生物对污染物形态转化与控制具有重要意义，有的微生物可以控制重金属的氧化还原及相应的形态转化，还有的土壤微生物携带双加氧酶功能基因，所表达的蛋白是降解有机污染物的关键酶，有效调控这些功能基因的表达可以达到有机污染物的生物降解和污染土壤的生物修复效果[1,2]。因此把握好土壤微生物的群落种类、功能特性、影响因子以及调控机理等，对维持土壤生命力和生态环境健康发展具有重要意义。

科学知识图谱通常包括共词分析、共引分析、多元统计分析、词频分析和社会网络分析，以文献的作者、关键词、标题、引文、摘要和机构等作为数据单元，采用 Ucinet、CiteSpace、VOSviewer 等可视化分析软件进行绘制[3]。本文选用的 CiteSpace 软件，是美国德雷克塞尔大学信息科学与技术学院的陈超美教授开发的信息可视化软件[4]。在重金属污染土壤修复[5]、有机肥料[6]、土壤养分循环的微生物机制[7]等研究领域，已有相关文献运用知识图谱工具对其进行研究动态及发展趋势的可视化分析，揭示相应主题研究的知识基础、研究热点、研究前沿以及发展趋势等。但尚无采用 CiteSpace 软件对近年中国土壤微生物领域的研究前沿与热点进行知识图谱分析。因此，本文采用中国知网学术期刊数据库收录的土壤微生物研究的相关文献作为数据源，进行科学计量分析和可视化图谱绘制，并探讨土壤微生物研究热点和发展趋势，以便相关研究工作人员对土壤微生物研究现状在整体上有一个大致的了解认识，并对今后的进一步研究有所引导和帮助，促进土壤微生物研究的深入发展，进而为维持生态系统稳定和人类健康打好坚实的基础。

2 研究数据与研究方法

2.1 数据来源

以 CNKI 中国学术期刊数据库为检索来源，检索主题：“土壤微生物”。时间限定为：2010—2019 年；期刊来源类别为：核心期刊；以 Refworks 格式导出文献，以“download_”开头命名 TXT 文件，共得到有效文献 5 890 篇。检索时间：2020 年 10 月 25 日。

2.2 研究方法

本文采用 CiteSpace V（5.7.R2）软件对获取的文献数据进行研究分析。该软件为美国德克赛尔大学陈超美教授研究开发的一款多元、分时、动态的引文可视化分析软件，可对国家、作者、文献等合作共现、文献研究脉络、研究热点与研究前沿等信息提供直观的可视化分析图谱[8]。

CiteSpace V 软件参数设置：分析时间范围为 2010 年 1 月—2019 年 12 月，时间切片为 1 年，词语来源同时选择“Title”“Abstract”“Descriptors”和“Identifiers”。数据抽取对象为 Top50，即每一年中选择前 50 个高频出现的节点。节点类型依次选择“Institution”“Author”和“Keyword”。剪枝方式选择寻径网络算法“Pathfinder”，其他为系统默认设置。

3 土壤微生物领域的中文文献计量分析

3.1 发文量分析

通过对检索所得文献进行时间分布分析可知（图 1），土壤微生物研究近 10 年来一直保持较高热度，2010—2017 年保持平稳中略有增长趋势。尽管 2018 年论文数量突然降到最低 411 篇，但其余年份的文献出版量均保持在 500 篇以上，2019 年达最高 752 篇。这说明尽管在 2018 年文献量有突然减少现象，而 2019 年的文献量直接上升到 10 年最高值，土壤微生物领域的研究热度并没有消失，2018 年可能是一个研究准备或者反思整合阶段，预示着土壤微生物的相关研究将出现新趋势。

3.2 发文机构分析

统计得到中国土壤微生物研究领域文献发文机构

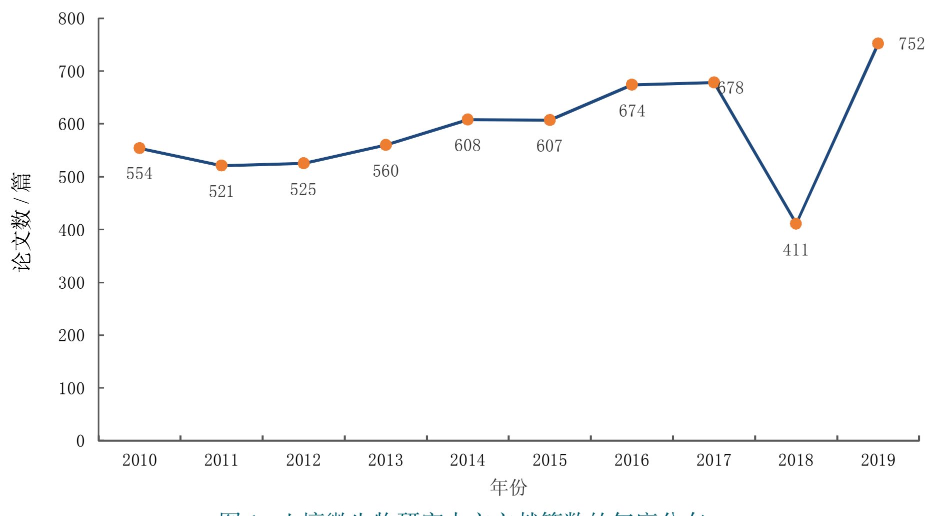


图 1　土壤微生物研究中文文献篇数的年度分布

Fig.1　The number distribution of published Chinese articles of soil microorganism research

有 681 个，为统一机构层次，将某高校的下属单位发文量统一到某高校范畴，如分析出现的西北农林科技大学资源环境学院、西北农林科技大学水土保持研究所、西北农林科技大学林学院等规划到西北农林科技大学，但是中国科学院大学作为中科院的教育机构，中科院各研究所培养学生均同时属于中国科学院大学，部分国科大与研究所的合作发文不属于通常意义上的跨机构科研合作，因此其下属研究所仍作为独立机构统计发文量，表 1 列出了发文量排名前 20 位的发文机构。从图谱可以看出各研究单位之间虽然有连线分布（*N*=823），但合作网络密度并不大（*Density*=0.003 6），说明中国各研究机构之间欠缺合作交流，应在日后研究工作中引起重视。结合知识网络图谱可知（图 2），中国科学院大学作为中国科学技术最高学府，西北农林科技大学作为著名农林院校，在土壤微生物领域都做出了重大研究贡献。另外，南京农业大学、四川农业大学和中国农业科学院也凸显了较高的学术科研力量。

表 1　土壤微生物研究主要机构及发文量

Table 1　The main institutions and publications of soil microorganism research

序号	发文量/篇	发文机构
1	479	中国科学院大学（原中国科学院研究生院）
2	337	西北农林科技大学
3	237	南京农业大学
4	226	中国科学院南京土壤研究所
5	181	四川农业大学
6	160	甘肃农业大学
7	158	中国农业科学院农业资源与农业区划研究所
8	156	西南大学
9	156	山东农业大学
10	150	沈阳农业大学
11	140	宁夏大学
12	131	福建农林大学
13	130	东北农业大学
14	127	东北林业大学
15	127	中国科学院沈阳应用生态研究所
16	126	湖南农业大学
17	125	华南农业大学
18	119	中国农业大学
19	117	中国科学院亚热带农业生态研究所
20	77	南京林业大学

3.3　核心作者分析

核心研究作者对该领域发展脉络、研究趋势、学术热点、研究方向的把握明显优于其他研究人员，甚至在很多时候会引领该学术研究领域的发展方向[8]。经统计土壤微生物研究中文发文量最多的作者是沈其荣（28 篇），其次杨殿林和毛志泉并列 27 篇，胡锋（26 篇），阮宏华（25 篇），陈学森（24 篇），杨宁和刘满强（23 篇），吴凤芝和李忠佩（22 篇），杨万勤和吴金



图 2　土壤微生物研究机构共现图谱

Fig.2 Co-occurrence knowledge mapping of institutions of soil microorganism research

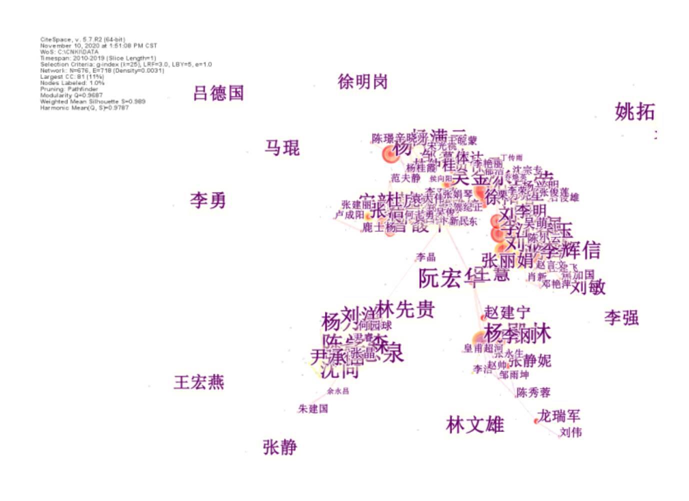


图 3　土壤微生物研究作者合作图谱

Fig.3 Co-occurrence knowledge mapping of authors of soil microorganism research

水（19 篇），姚拓、李辉信、刘洋和刘明（18 篇），沈向和林先贵（16 篇）。

普赖斯定律是在洛特卡定律基础上进一步研究科学家人数和科学论文数量之间的关联所提出的。推导公式为 $M=0.749(Nmax)^{1/2}$，其中，$Nmax$ 为杰出科学家中最高产作者发表论文数，M 为杰出科学家中最低产作者发表数[9,10]。统计得出作者总数为 677 人，沈其荣是统计时间段内发文量最多（28 篇）的学者，因此发文 4 篇以上（M=3.96）的学者可以认为是该领域的核心作者。通过对发文作者的知识图谱（图 3）分析得出，核心作者合作团队成员之间联系紧密（Q=0.9687；S=0.989），呈现团队共同研究趋势，但整体合作关系较为松散（$Density$=0.0031）。表 2 列举了几位具有特色研究的核心作者及其高被引文章的概况，杨殿林团队和沈其荣团队是土壤微生物研究的核心力量。

其中，杨宁教授[11]在 2012—2016 年期间，主要以紫色土植被恢复为研究背景，展开了对土壤微生物生物量、微生物群落结构功能多样性、土壤酶活性等的研究，结果阐释了植被恢复可使土壤微生物代谢功能增强，土壤微生物繁殖加快、数量增大，从而促进土壤微生物对土壤 C 源的利用强度。以高产高突现作者毛志泉、陈学森和沈向为主的团队，建立分析果树根际微生物多样性的 PCR-DGGE、T-RFLP、qPCR 等分子生物学技术体系，对苹果树连作土壤下甜茶幼苗的研究表明，施加菌肥可提高连作平邑甜茶幼苗的根系呼吸速率以及土壤酶活性，降低土壤腐皮镰孢菌的基因拷贝数，施用菌肥可作为减缓苹果连作障碍的良好防控措施[12]。以中国科学院亚热带农业生态研究所的曾馥平、彭晚霞为主的团队，其特色研究发现喀斯特峰丛洼地的不同退耕还林还草模式能提高土壤微生物总数量、微生物量含量，增加土壤蔗糖酶、脲酶和磷酸酶活性，得出“退耕还林还草模式能改善土壤微生物特性”的结论，从而为喀斯特峰丛洼地脆弱生态系统恢复与重建提供重要依据[13]。

3.4　核心期刊分析

布拉德福定律是描述专业论文在期刊中分布情况的经验规律的定律，将期刊按其刊载某专业论文数量的多少以递减顺序排列，则可分出一个核心区和相继的几个区域，当每区刊载的论文量相等时，核心期刊数 N_c 和外围一区期刊数 N_1、外围二区期刊数 N_2 成 $N_c:N_1:N_2=1:a:a^2$ 关系，其中 a 约等于 5[9]。运用此定律确定土壤微生物研究领域核心期刊，期刊数量及其载文量等统计数据详见表 3，期刊总量为 320，则核心期刊数量约等于 10（N_c= 期刊总量 /31），占总期刊数的

表 2 土壤微生物研究核心作者概况

Table 2 The general situation of core authors of soil microorganism research

核心作者	作者单位	高被引文章题目	被引频次/次	发表年份
沈其荣	南京农业大学资源与环境科学学院	中国土壤微生物学研究 10 年回顾	276	2013
		生物有机肥对香蕉植株生长和香蕉枯萎病防治的研究	178	2010
		连作土壤微生物区系分析、调控及高通量研究方法	141	2011
杨殿林	中国农业部环境保护科研监测所	不同施肥措施对土壤活性有机碳的影响	148	2013
		呼伦贝尔不同草地类型土壤微生物量及土壤酶活性研究	139	2010
		耕作方式对农田土壤理化因子和生物学特性的影响	113	2015
毛志泉	山东农业大学	轮作不同作物对苹果园连作土壤环境及平邑甜茶幼苗生理指标的影响	70	2014
		棉隆对苹果连作土壤微生物及平邑甜茶幼苗生长的影响	51	2014
		苹果园种植长柔毛野豌豆结合自然生草对土壤综合肥力的影响	39	2016
胡锋	南京农业大学资源与环境科学学院	添加生物质炭对红壤水稻土有机碳矿化和微生物生物量的影响	148	2012
		蚯蚓对秸秆还田土壤细菌生理菌群数量和酶活性的影响	70	2010
		模拟氮沉降对杉木人工林土壤酶活性及微生物群落功能多样性的影响	65	2013
阮宏华	南京林业大学生物与环境学院	围湖造田不同土地利用方式土壤活性有机碳的变化	49	2010
		氮沉降对土壤微生物影响的研究进展	31	2015
		苏北沿海不同林龄杨树林土壤活性有机碳特征	27	2012
杨宁	湖南环境生物职业技术学院园林学院	衡阳紫色土丘陵坡地不同植被恢复阶段土壤酶活性特征研究	112	2013
		衡阳紫色土丘陵坡地不同恢复阶段植被特征与土壤性质的关系	105	2013
		衡阳紫色土丘陵坡地不同恢复阶段土壤特性的演变	78	2014

3.13%，核心区相关论文数 2 005 篇，占总发文量的 34.04%，也就是说占期刊数量 3.13%的核心期刊共刊载了 34.04%的相关论文。土壤微生物研究的核心期刊载文量及占比详见表 4，其中《生态学报》发表的文章数量远远高于其他期刊达到 365 篇，比例为 6.20%，说明该学术期刊比较关注和偏好土壤微生态研究领域，也是该领域研究学者信任和专注的期刊之一。其次为《应用生态学报》《土壤通报》和《生态环境学报》，发文量均在 200 篇以上。《生态学报》是由中国生态学学会和中国科学院生态环境研究中心主办，综合影响因子为 2.321，旨在探索生态学奥秘，为生态学基础理论研究搭建交流平台，促进生态学研究深入发展。《应用生态学报》是由中国生态学学会和中国科学院沈阳应用生态研究所主办的综合性学术期刊，主要报道应用生态学领域的创新性科研成果与科研进展，综合影响因子为 2.166。因此相关科研工作者可根据自身研究内容与期刊特点高效获取文献和发表文章。

3.5 高被引文献分析

检索得到的高被引文献中去除文献综述类文章，排名前五的高被引文献详见表 5。2010—2011 年为起点，秸秆还田、生物质炭、农作物连作以及施肥等作为土壤微生物的影响因素，被高度关注和深入研究。2014 年作为另一个起点，着重将土壤微生物研究细化，涉及到微生物碳、氮及土壤呼吸和新型微生物研究方法的探讨。说明土壤微生物研究的层次从宏观走向微观，研究方法无论在定性还是定量技术层面都逐步趋于先进可靠。

4 土壤微生物领域研究热点及前沿趋势

4.1 研究热点分析

利用 CiteSpace V 软件对关键词进行共现分析，裁剪方式对话框中选择“Pathfinder”“Pruning sliced net-

表 3 土壤微生物研究相关期刊数据统计

Table 3 The statistics of related journals of soil microorganism research

序号	相关论文数/篇	期刊数/个	累计期刊数/个	累计论文数/篇	序号	相关论文数/篇	期刊数/个	累计期刊数/个	累计论文数/篇
1	365	1	1	365	33	36	1	44	4 065
2	248	1	2	613	34	33	1	45	4 098
3	216	1	3	829	35	32	1	46	4 130
4	203	1	4	1 032	36	31	3	49	4 223
5	192	1	5	1 224	37	30	1	50	4 253
6	185	1	6	1 409	38	29	2	52	4 311
7	166	1	7	1 575	39	28	1	53	4 339
8	156	1	8	1 731	40	26	3	56	4 417
9	155	1	9	1 886	41	25	1	57	4 442
10	119	1	8	2 005	42	24	3	60	4 514
11	117	1	11	2 122	43	23	2	62	4 560
12	107	2	13	2 336	44	22	3	65	4 626
13	100	2	15	2 536	45	21	2	67	4 668
14	95	1	16	2 631	46	19	3	70	4 725
15	93	1	17	2 724	47	18	8	78	4 869
16	91	1	18	2 815	48	17	7	85	4 988
17	70	1	19	2 885	49	16	1	86	5 004
18	66	1	20	2 951	50	15	2	88	5 034
19	58	2	22	3 067	51	14	4	92	5 090
20	55	2	24	3 177	52	13	2	94	5 116
21	54	2	26	3 285	53	12	7	101	5 200
22	52	2	28	3 389	54	11	6	107	5 266
23	51	1	29	3 440	55	10	8	115	5 346
24	49	2	31	3 538	56	9	7	122	5 409
25	48	1	32	3 586	57	8	10	132	5 489
26	45	1	33	3 631	58	7	7	139	5 538
27	44	1	34	3 675	59	6	7	146	5 580
28	43	1	35	3 718	60	5	6	152	5 610
29	42	1	36	3 760	61	4	13	165	5 662
30	41	2	38	3 842	62	3	17	182	5 713
31	39	1	39	3 881	63	2	39	221	5 791
32	37	4	43	4 029	64	1	99	320	5 890

works”和“Pruning the merged network”，得到关键词共现网络图谱，共得到 136 个节点，151 条连线，如图 4 所示。图 4 中的节点代表关键词，外圈越大，相关论文数越多，节点的最外圈代表中心性大小，中心性越大，外圈就越厚[8]。

研究领域内广受关注的核心问题探索会形成高频次、高中心性的文章关键词。关键词是对文章主题的高度概括和提炼，能够较好地反应某一研究领域的主题分布与特点，随着学科的逐渐发展，核心关键词的数量会逐渐趋于稳定并成为该领域的核心[8]。关键词中

表 4　土壤微生物研究核心期刊数据统计

Table 4 The data statistics of core journals of soil microorganism research

期刊名称	载文量/篇	占总论文量比例/%	期刊名称	载文量/篇	占总论文量比例/%
生态学报	365	6.20	水土保持学报	185	3.14
应用生态学报	248	4.21	土壤	166	2.82
土壤通报	216	3.67	植物营养与肥料学报	156	2.65
生态环境学报	203	3.45	农业环境科学学报	155	2.63
生态学杂志	192	3.26	北方园艺	119	2.02

表 5　土壤微生物研究高被引文献

Table 5 The high-cited articles of soil microorganism research

序号	文章题目	被引频次/次	发表期刊	发表年份
1	生物质炭对红壤性质和黑麦草生长的影响	406	浙江大学学报	2011
2	高通量测序和 DGGE 分析土壤微生物群落的技术评价	380	微生物学报	2014
3	不同玉米秸秆还田量对土壤肥力及冬小麦产量的影响	341	植物营养与肥料学报	2010
4	26 年长期施肥对土壤微生物量碳、氮及土壤呼吸的影响	288	生态学报	2014
5	玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响	241	生态学报	2010

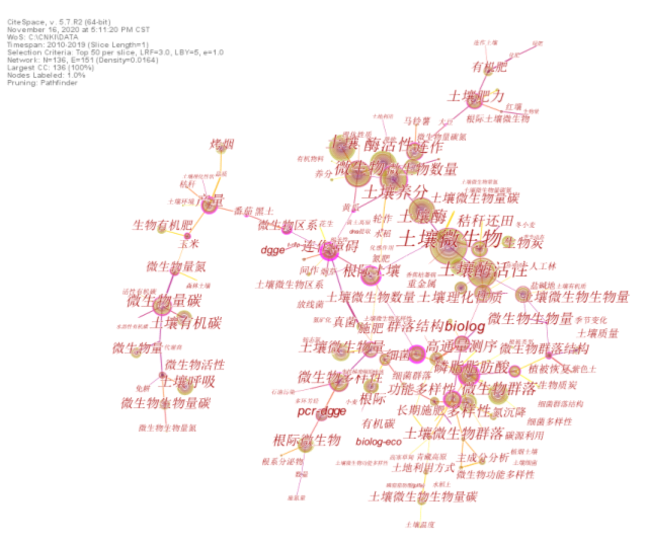


图 4　土壤微生物研究关键词共现图谱

Fig.4 Co-occurrence knowledge mapping of keywords of soil microorganism research

表 6　土壤微生物研究高频及高中心性关键词

Table 6 The high frequency and high centricity keywords of soil microorganism research

序号	共现频次/次	关键词	中心中介性	关键词
1	517	土壤酶活性	1.02	连作障碍
2	327	土壤养分	0.86	群落结构
3	177	微生物群落	0.69	根际土壤
4	158	磷脂脂肪酸	0.65	磷脂脂肪酸
5	154	微生物量碳	0.60	黄瓜
6	146	微生物多样性	0.57	微生物区系
7	144	土壤微生物量	0.53	番茄
8	141	根际土壤	0.50	变性梯度凝胶电泳
9	141	土壤呼吸	0.38	玉米
10	141	土壤有机碳	0.36	施肥

心性则反映了其在整个关键词共现网络中的中介作用及影响力，中心性越高，表明该节点在共现图谱中总的最短路径出现的越多，其他节点与其建立共现关系的可能性就越大，可以借助高中心性、高频关键词来确定土壤微生物研究的热点与焦点[8]。在统计得出的高频、高中心性关键词（表 6）中，分别剔除了与检索主题词相同的关键词“土壤”和“微生物”，以及与研究领域无明显关系的非专业特征词“多样性”和“产量”。结合高频次、高中心性关键词分布，可以基本确定研究热点为：土壤酶活性及土壤呼吸、土壤养分、微生物群落结构及多样性、微生物研究方法（磷脂脂肪酸、变性梯度凝胶电泳）、土壤微生物量（碳、氮）、根际土壤、不同农作物影响（黄瓜、番茄、玉米），以及施肥等方面。

土壤酶参与了土壤中一切生物化学过程：腐殖质的合成与分解，有机化合物、动植物和微生物残体的水解与转化，以及土壤中有机、无机化合物的各种氧化还原反应等。这些过程与土壤中各营养元素的释放与贮存、土壤中腐殖质的形成与发育、以及土壤的结构和物理状况都是密切相关的。赵娜等[14]研究表明施用家畜粪便堆肥改变土壤微生物群落多样性和土壤酶活性，提高番茄植株抗病性。官会林等[15]通过绿肥轮作试验发现植烟生长期内根区土壤酶活、土壤微生物量均高于麦 - 烟复种及冬闲连作地，差异显著。

土壤微生物活动是土壤呼吸作用的主要来源，可以把测定土壤呼吸强度看作是衡量土壤微生物总的活性指标。土壤有机质含量、PH、温度、水分以及有效养分含量等影响土壤微生物活动的各类因素，都能影响土壤呼吸强度。臧逸飞等[16]研究发现长期氮磷肥配施、单施有机肥及有机无机肥配施均可以增强土壤基础呼吸强度，单施氮肥、磷肥使土壤基础呼吸强度降低，产生抑制作用。涂利华等[17]采用红外 CO_2 分析法测定土壤呼吸速率，发现土壤呼吸速率与土壤温度呈极显著正指数关系，与微生物生物量碳、氮呈极显著正线性关系，且模拟氮沉降显著促进了土壤呼吸。

土壤微生物量氮在土壤氮循环与转化过程中起着重要的调节作用，土壤微生物量氮含量多少决定于土壤中微生物的数量。微生物量碳是土壤中易于利用的养分库及有机物分解和氮矿化的动力，微生物的活性与土壤有机碳的关系非常密切，可以把土壤中有机碳分解的快慢看作是土壤微生物活动强弱的外在表现。微生物对有机碳的利用率越高，维持相同微生物量所需的能源越少，说明土壤环境有利于土壤微生物的生长，质量比较高。张奇等[18]研究得出秸秆还田处理的土壤微生物生物量碳和氮分别比对照增加了 5%～35% 和 9%～52%，土壤微生物量碳氮比下降。

其他方面，刘素慧等[19]研究大蒜长期连作对其根际土壤微生物数量和酶活性的影响，发现连作 15~20 年，根际土壤微生物结构失调，土壤酶活性下降，连作障碍明显。杨宇红等[20]发现施用常规复合肥利于氨基酸类、胺类物质为碳源的微生物生长，施用有机肥利于羧酸类物质为碳源的微生物生长，而施用农家肥则利于糖类、脂肪酸、酚酸类物质为碳源的微生物生长。杨滨娟等[21]研究了秸秆还田配施化肥能够增加根际土壤总细菌、放线菌、真菌、氨氧化细菌、好气性自生固氮菌、亚硝酸细菌、磷细菌和好气性纤维素分解菌的数量，提高过氧化氢酶、脲酶、转化酶的酶活性，从而改善土壤生态环境。

4.2 研究前沿分析

研究前沿是一个研究领域中最近、最具有发展潜力的研究主题，能够展现学科未来的发展方向。CiteSpace V 主题词类型选择“Burst Terms”，节点类型选择“keyword”，剪裁方式选择“Pathfinder”，可视化方式采取“timeline”，获得土壤微生物研究领域突现词共现时间线视图（图 5）。运用 LLR 算法对各个聚类进行标识来确定研究前沿，其中聚类序号与聚类大小呈反比，节点大小与被引频次呈正比。视图评价指标显示：Q 值 =0.818 8，S 值 =0.942 6，表明视图聚类效果显著良好。同一聚类的节点按照时间顺序排布在同一水平线上，展示该聚类的历史演变。0 号聚类“Biolog-ECO”时间线上的专业术语较多且贯穿整个时间线，这表明“Biolog-ECO 方法”的应用是土壤微生物研究领域的核心研究技术，也是学者始终关注的热点和前沿主题。高通量测序（聚类 1）时间线上出现了小麦、盐碱地、有机碳、氮沉降、细菌群落结构多样性等节点术语，涉及的范围较广，在土壤微生物领域利用高通量测序技术从 2013 年开始出现零星研究，2017 年文献量突发性增长并保持高增长率至 2019 年达到 78 篇，高通量测序技术作为基因组学研究领域的里程碑，成功应用到土壤微生物研究工作中，为土壤微生物定量研究开拓了新天地。聚类 4“植被恢复”时间线上有微生物群落结构、紫色土、生物质炭、土壤有机质、植烟土壤等术语，以 2016 年出现的生物质炭为重要节点。

突现词（Burst）探测算法可以探测在某一时间段内被引频次或共现频次突现度增加的节点，突现值的大小表现了其研究方向的重要性，以此来预测领域内的研究方向[10]。经探测得到前 15 个突现词（图 6），其

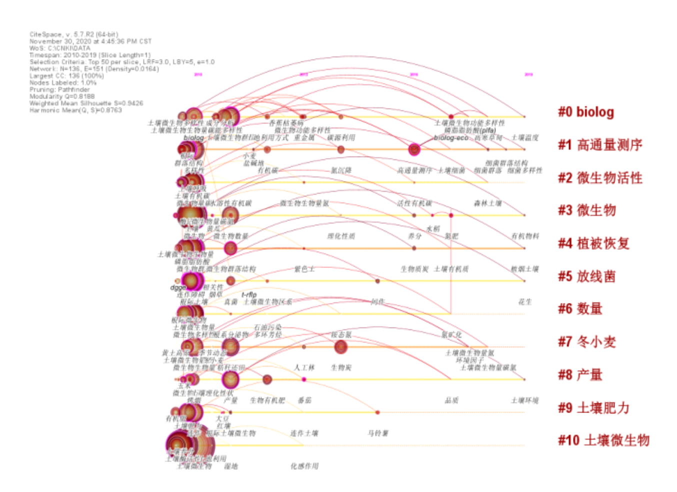
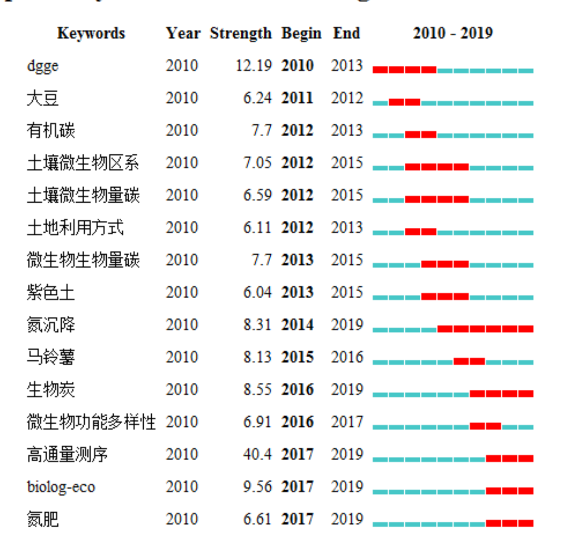


图 5　土壤微生物研究突现词时间线图谱

Fig.5 Timeline view of burst keywords of soil microorganism research

Top 15 Keywords with the Strongest Citation Bursts



Keywords	Year	Strength	Begin	End	2010 - 2019
dgge	2010	12.19	**2010**	2013	
大豆	2010	6.24	**2011**	2012	
有机碳	2010	7.7	**2012**	2013	
土壤微生物区系	2010	7.05	**2012**	2015	
土壤微生物量碳	2010	6.59	**2012**	2015	
土地利用方式	2010	6.11	**2012**	2013	
微生物生物量碳	2010	7.7	**2013**	2015	
紫色土	2010	6.04	**2013**	2015	
氮沉降	2010	8.31	**2014**	2019	
马铃薯	2010	8.13	**2015**	2016	
生物炭	2010	8.55	**2016**	2019	
微生物功能多样性	2010	6.91	**2016**	2017	
高通量测序	2010	40.4	**2017**	2019	
biolog-eco	2010	9.56	**2017**	2019	
氮肥	2010	6.61	**2017**	2019	

图 6　土壤微生物研究突现词分布图谱

Fig.6 Distribution of burst keywords of soil microorganism research

中出现最早的突现词为“dgge”，持续时间最长的关键词是“氮沉降”（2014—2019 年），最近出现的突现词为“高通量测序”“biolog-eco”和“氮肥”。突现值最大的关键词为“高通量测序”，突现值为 40.40，可以认为高通量测序是自 2017 年出现以来被热门关注和探讨的主题，研究学者在利用高通量测序方法分析土壤微生物群落结构及数量方面进行了深入探讨，成为土壤微生物研究领域的前沿。杨广荣等[22]利用 Illumina 高通量测序技术测定分析 16S rDNA，研究了茶园土壤细菌群落多样性；王悦等[23]采用 MiSeq 高通量测序技术对不同种植模式下丹参根际土壤中细菌的 16S rDNA 基因 V3~V4 区片段和真菌 18S rDNA 基因 V4 区片段进行测序，研究了细菌和真菌群落结构的变化。随着分子生物学及生物信息学的迅速发展，利用高通量测序、核酸杂交技术、DNA 指纹图谱技术和基因芯片等分子生物学方法来分析土壤微生物多样性和群落结构，以及应用宏基因组学、宏蛋白组学及代谢组学等系统生物学的方法研究土壤微生物活性及功能的演变规律已成为土壤生物学领域的趋势。

（1）在 2017 年利用 Biolog-ECO 方法研究土壤微生物群落功能多样性成为焦点前沿。Biolog-ECO 技术是研究微生物群落功能多样性的方法，由于操作简单、获得信息量大等优点，在环境、农业、水产、医学等领域受到广泛关注[24,25]。孙雪等[26]采用 Biolog-ECO 微平板检测法研究原始红松林及次生林中土壤微生物功能多样性的变化规律，发现原始林土壤微生物对各类碳源的综合利用强度均大于次生林，不同林型下土壤微生物群落的优势碳源类型存在一定的差异；翟文婷等[27]研究发现放牧活动能显著影响环青海湖地区高寒草原土壤微生物群落代谢特征。

（2）氮沉降是自 2014 年以来持续被高度关注的研究主题。随着人类活动向大气中排放的活性氮化合物激增，大气氮素沉降也呈迅猛增加的趋势。大气氮沉降数量的急剧增加将严重影响陆地及水生生态系统的生产力和稳定性[28]。氮添加通常会减少微生物的生物量，改变微生物群落结构。氮沉降会导致土壤微生物生物量、真菌生物量以及真菌与细菌生物量比值下降，细菌群落结构组成改变，土壤微生物活性下降，某些功能基因丰度下降[29]。另外，氮添加可通过影响土壤养分的有效性来改变土壤酶活性，增加土壤有效氮的含量从而降低与微生物氮获取相关的酶活性。邓玉峰等[30]的研究结果表明模拟氮沉降下施用石灰措施能够改善休耕红壤生境，降低因氮沉降造成的酸化对根际微生物群落的危害，加速土壤生态系统恢复。

（3）生物炭作为有效的土壤改良剂，对土壤微生物也具有一定影响。借由生物炭封存的独特方式，捕

捉与清除大气中的温室气体，并转化成非常稳定的形式，可储存在土壤中达数千年之久[31]。另外，生物炭特殊的蜂窝状结构成为水分和肥料的储存库，可以提高土壤肥力。王彩云等[32]研究表明生物炭施用可以改善温室黄瓜连作土壤的理化性质，提高土壤细菌数量，降低有害真菌数量，使根际土壤微生物的代谢活性增强，功能多样性提高，改良了土壤微生物生态系统。

5 结论与讨论

经上述分析可知，近 10 年来中国土壤微生物领域的研究一直保持较高热度，2010—2017 年保持平稳中略有增长趋势，各年份的文献出版量均保持在 500 篇以上（2018 年除外），2019 年达最高 752 篇。核心发文机构由西北农林科技大学、南京农业大学等著名农林院校和中科院、农科院下属的研究所组成，专业属性极明显，《生态学报》为土壤微生物研究中文论文发表的首要平台。

2010—2015 年的研究热点主要集中在 DGGE 研究方法、土壤微生物量碳氮、土壤微生物区系、不同土地利用方式、土壤类型（紫色土）方面。2015 年之后，在马铃薯、微生物功能多样性、氮沉降和生物炭方面形成了热点研究主题。2017 年开始高通量测序既是土壤微生物领域的研究热点，又是该学科的前沿趋势。由于温室气体排放导致气候变化给全球带来的影响不容小觑，氮沉降作为自 2014 年开始的突现热点至今仍被高度关注，继续作为土壤微生物研究的前沿方向等待科研学者深入挖掘。生物炭可作为碳汇储存碳，微生物作为不同形态碳的加工者，运用生物炭的特性来改善土壤微生态环境的利弊，引发了众多学者纷纷加入到此研究主题中，作为土壤微生物领域至今争论不休的热点及前沿。

随着科学研究的进步与发展，科学家发现并确认土壤微生物在土壤生态环境乃至整个生物圈中扮演着至关重要的角色。中国聚焦在森林土壤、盐碱土、青藏高原冻土、污染土壤等方面，利用不同技术方法（基于 16S rRNA 序列分析的各种方法、稳定同位素探针技术、宏基因组学技术等），也持续展开了对土壤微生物多样性的深入研究并获取相关重要数据，具有较高的参考价值。将来对土壤微生物的研究其涉及面会越来越广，跨学科跨领域（环境学、微生物学、农业资源利用、植物学等）将成为常态，科研工作者可以跨学校单位进行研讨合作，各团队间增强沟通交流，获取新生力量和智库资源。

由于文献量较多，受写作篇幅所限，本文选择的土壤微生物研究相关文献的发表年度是 2010—2019 年，侧重于利用 CNKI 学术期刊数据库中文文献分析中国近 10 年该领域的研究状况，通过利用 CiteSpace 软件绘制知识图谱，取得了直观良好的分析效果。在今后的工作中若同步分析英文文献，将会给研究人员提供更全面详尽的情报资料。

参考文献：

[1] FIERER N, WOOD S A, BUENO DE M C P. How microbes can, and cannot, be used to assess soil health [J]. Soil biology and biochemistry, 2021: 153.

[2] 宋长青，吴金水，陆雅海，等. 中国土壤微生物学研究 10 年回顾[J]. 地球科学进展, 2013, 28(10): 1087–1105.
SONG C Q, WU J S, LUY H, et al. Advances of soil microbiology in the last decade in China[J]. Advances in earth science, 2013, 28 (10): 1087–1105.

[3] 杨良斌. 数据挖掘领域研究现状与趋势的可视化分析[J]. 图书情报工作, 2015, 59(s2): 142–147.
YANG L B. Visual analysis of current situation and trends in the field of data mining[J]. Library and information service, 2015, 59(s2): 142–147.

[4] 陈悦，陈超美，刘则渊，等. CiteSpace 知识图谱的方法论功能[J]. 科学学研究, 2015, 33(2): 242–253.
CHEN Y, CHEN C M, LIU Z Y, et al. The methodology function of CiteSpace mapping knowledge domains[J]. Studies in science of science, 2015, 33(2): 242–253.

[5] 吴永红，靳少非. 基于 CiteSpace 的重金属污染土壤修复研究文献计量分析[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(3): 454–461.
WU Y H, JIN S F. Bibliometric analysis of the repair of heavy met

al-contaminated soil based on CiteSpace[J]. Journal of agro-environment science, 2020, 39(3): 454-461.

[6] 邢素芝, 李孝良, 肖新, 等. 基于 CiteSpace 可视化分析有机肥料研究进展析[J]. 土壤, 2020, 52(4): 659-667.
XING S Z, LI X L, XIAO X, et al. Visualization analysis of research progress in organic fertilizer study based on CiteSpace [J]. Soils, 2020, 52(4): 659-667.

[7] 孙波, 王晓玞, 吕新华. 我国 60 年来土壤养分循环微生物机制的研究历程——基于文献计量学和大数据可视化分析[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(6): 1590-1601.
SUN B, WANG X Y, LV X H. The historical venation in research on microbial mechanisms of soil nutrient cycling in the past 60 years-Based on bibliometric analysis and big data visualization[J]. Journal of plant nutrition and fertilizer, 2017, 23(6): 1590-1601.

[8] 李杰, 陈超美. 科技文本挖掘及可视化[M]. 北京: 首都经济贸易大学出版社, 2017.
LI J, CHEN C M. CiteSpace: Text mining and scientific literature[M]. Beijing: Capital university of economics and business press, 2017.

[9] 叶鹰. 情报学基础教程[M]. 北京: 科学出版社, 2018.
YE Y. Basic course in intelligence science [M]. Beijing: Science press, 2018.

[10] 曹梦, 李勇, 勾宇轩, 等. 基于知识图谱的土壤中抗生素研究进展分析[J]. 农业资源与环境学报, 2020, 37(5): 627-635.
CAO M, LI Y, GOU Y X, et al. Knowledge mapping analysis of antibiotics in soil research based on the CiteSpace software[J]. Journal of agricultural resources and environment, 2020, 37(5): 627-635.

[11] 杨宁, 邹冬生, 杨满元, 等. 衡阳紫色土丘陵坡地不同植被恢复阶段土壤微生物群落多样性的变化[J]. 林业科学, 2016, 52(8): 146-156.
YANG N, ZOU D S, YANG M Y, et al. Variations of soil microbial community diversity in purple soils at different re-vegetation stages on sloping-land in Hengyang, Hunan province[J]. Scientia silvae sinicae, 2016, 52(8): 146-156.

[12] 王义坤, 孙琪然, 段亚楠, 等. 三种菌肥对苹果连作土壤环境及平邑甜茶幼苗生长的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(4): 630-638.
WANG Y K, SUN Q R, DUAN Y N, et al. Effect of three microbial fertilizers on environmental improvement of apple replanted soil and growth of malus hupehensis rehd seedlings [J]. Journal of plant nutrition and fertilizers, 2019, 25(4): 630-638.

[13] 鹿士杨, 彭晚霞, 宋同清, 等. 喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式的土壤微生物特性[J]. 生态学报, 2012, 32(8): 2390-2399.
LU S Y, PENG W X, SONG T Q, et al. Soil microbial properties under different grain-for-green patterns in depressions between karsthills[J]. Acta ecologica sinica, 2012, 32(8): 2390-2399.

[14] 赵娜, 林威鹏, 蔡昆争, 等. 家畜粪便堆肥对番茄青枯病、土壤酶活性及土壤微生物功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2010, 30(19): 5327-5337.
ZHAO N, LIN W P, CAI K Z, et al. Impact of livestock waste compost on tomato bacterial wilt, soil enzyme activity and soil microbial functional diversity[J]. Acta ecologica sinica, 2010, 30(19): 5327-5337.

[15] 官会林, 郭云周, 张云峰, 等. 绿肥轮作对植烟土壤酶活性与微生物量碳和有机碳的影响[J]. 生态环境学报, 2010, 19(10): 2366-2371.
GUAN H L, GUO Y Z, ZHANG Y F, et al. Effect of green manure rotation soil enzyme activities and soil microbial biomass carbon and soil organic carbon in tobacco field[J]. Ecology and environmental sciences, 2010, 19(10): 2366-2371.

[16] 臧逸飞, 郝明德, 张丽琼, 等. 26 年长期施肥对土壤微生物量碳、氮及土壤呼吸的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(5): 1445-1451.
ZANG Y F, HAO M D, ZHANG L Q, et al. Effects of wheat cultivation and fertilization on soil microbial biomass carbon, soil microbial biomass nitrogen and soil basal respiration in 26 years[J]. Acta ecologica sinica, 2015, 35(5): 1445-1451.

[17] 涂利华, 戴洪忠, 胡庭兴, 等. 模拟氮沉降对华西雨屏区撑绿杂交竹林土壤呼吸的影响[J]. 应用生态学报, 2011, 22(4): 829-836.
TU L H, DAI H Z, HU T X, et al. Effects of simulated nitrogen deposition on soil respiration in a bambusa pervariabilis dendrocalamopsi plantation in rainy area of west China[J]. Chinese journal of applied ecology, 2011, 22(4): 829-836.

[18] 张奇, 陈粲, 陈效民, 等. 不同深度秸秆还田对黄棕壤氮素和微生物生物量碳氮的影响[J]. 水土保持通报, 2019, 39(2): 56-61.
ZHANG Q, CHEN C, CHEN X M, et al. Effects of straw returning to different soil depth on soil nitrogen and microbial biomass carbon and nitrogen in yellow brown soil[J]. Bulletin of soil and water con-

servation, 2019, 39(2): 56–61.

[19] 刘素慧, 刘世琦, 张自坤, 等. 大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响[J]. 中国农业科学, 2010, 43(5): 1000–1006.

LIU S H, LIU S Q, ZHANG Z K, et al. Influence of garlic continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities[J]. Scientia agricultura sinica, 2010, 43(5): 1000–1006.

[20] 杨宇虹, 陈冬梅, 晋艳, 等. 不同肥料种类对连作烟草根际土壤微生物功能多样性的影响[J]. 作物学报, 2011, 37(1): 105–111.

YANG Y H, CHEN D M, JIN Y, et al. Effects of different fertilizers on functional diversities of microbial flora in rhizospheric soil of monoculture tobacco[J]. Acta agronomica sinica, 2011, 37(1): 105–111.

[21] 杨滨娟, 黄国勤, 钱海燕. 秸秆还田配施化肥对土壤温度、根际微生物及酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2014, 51(1): 150–157.

YANG B J, HUANG G Q, QIAN H Y. Effect of straw incorporation plus chemical fertilizer onsoil temperature, root micro–organisms and enzyme activities[J]. Acta pedologica sinica, 2014, 51(1): 150–157.

[22] 杨广容, 马燕, 蒋宾, 等. 基于 16S rDNA 测序对茶园土壤细菌群落多样性的研究[J]. 生态学报, 2019, 39(22): 8452–8461.

YANG G R, MA Y, JIANG B, et al. Analysis of the bacterial community and diversity in tea plantation soil via 16s rDNA sequencing[J]. Acta ecologica sinica, 2019, 39(22): 8452–8461.

[23] 王悦, 杨贝贝, 王浩, 等. 不同种植模式下丹参根际土壤微生物群落结构变化[J]. 生态学报, 2019, 39(13): 4832–4843.

WANG Y, YANG B B, WANG H, et al. Variation in microbial community structure in the rhizosphere soil of salvia miltiorrhiza bunge under three cropping modes[J]. Acta ecologica sinica, 2019, 39(13): 4832–4843.

[24] 陈正培, 熊建文, 沈方科, 等. Biolog–ECO 技术及其应用研究进展[J]. 轻工科技, 2018, 34(6): 97–98, 156.

CHEN Z P, XIONG J W, SHEN F K, et al. Application and research progress of biolog–ECO technology[J]. Light industry science and technology, 2018, 34(6): 97–98, 156.

[25] GE Z W, DU H J, GAO Y L, et al. Analysis on metabolic functions of storedrice microbial communities by biolog ECO microplates[J]. Frontiers in microbiology, 2018, 9: 1375.

[26] 孙雪, 隋心, 韩冬雪, 等. 原始红松林退化演替后土壤微生物功能多样性的变化[J]. 环境科学研究, 2017, 30(6): 911–919.

SUN X, SUI X, HAN D X, et al. Changes of soil microbial functional diversity in the degraded and successional primitive Korean pine forest in lesser Khingan mountain, northern China[J]. Research of environmental sciences, 2017, 30(6): 911–919.

[27] 翟文婷, 陈懂懂, 李奇, 等. 放牧强度对环青海湖地区高寒草原土壤微生物群落碳代谢特征的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2017, 23(4): 685–692.

ZHAI W T, CHEN D D, LI Q, et al. Effect of grazing intensity on carbon metabolic characteristics of soil microbial communities in an alpine steppe in the regions around Qinghai lake[J]. Chinese journal of applied and environmental biology, 2017, 23(4): 685–692.

[28] WANG J Q, SHI X Z, ZHENG C Y, et al. Different responses of soil bacterial and fungal communities to nitrogen deposition in a subtropical forest[J]. Science of thetotal environment, 2021, 755: 1.

[29] 赵超, 彭赛, 阮宏华, 等. 氮沉降对土壤微生物影响的研究进展[J]. 南京林业大学学报: 自然科学版, 2015, 39(3): 149–155.

ZHAO C, PENG S, RUAN H H, et al. Effects of nitrogen deposition on soil microbes[J]. Journal of Nanjing forestry university (natural sciences edition), 2015, 39(3): 149–155.

[31] 邓玉峰, 田善义, 成艳红, 等. 模拟氮沉降下施石灰对休耕红壤优势植物根际土壤微生物群落的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(6): 1449–1458.

DENG Y F, TIAN S Y, CHENG Y H, et al. Effects of liming on rhizosphere soil microbial communities of dominant plants in fallowed red soil under simulated nitrogen deposition[J]. Acta pedologica sinica, 2019, 56(6): 1449–1458.

[32] ZHU L X, XIAO Q, SHEN Y F, et al. Microbial functional diversity responses to 2 years since biochar application in silt–loam soils on the loess plateau[J]. Ecotoxicology and environmental safety, 2017, 144: 578–584.

[33] 王彩云, 武春成, 曹霞, 等. 生物炭对温室黄瓜不同连作年限土壤养分和微生物群落多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(4): 1359–1366.

WANG C Y, WU C C, CAO X, et al. Effects of biochar on soil nutrition and microbial community diversity under continuous cultivated cucumber soils in greenhouse[J]. Chinese journal of applied ecology, 2019, 30(4): 1359–1366.

Analysis of Research Status and Frontier Hotspots in Soil Microorganism Field

ZHAO Lili[1], ZHANG Xinmin[2]

(1. Library, Zhejiang University, Hangzhou 310027;

2. College of Control Science and Engineering, Zhejiang University, Hangzhou 310027)

Abstract: [Purpose/Significance] Soil microorganism is the most active component of soil, which is the key factor of a healthy soil ecosystem Therefore, to investigate the hotspots, frontiers and directions of soil microorganism research is helpful for researchers to understand research topics and directions. [Method/Process] Using CiteSpace V software papers of soil microbiology published by key journals from 2010 to 2019 collected by CNKI were used to analyze the distribution characteristics of authors, institutions and journals, and to draw the knowledge graph of keyword co-occurrence, burst terms distribution and the time line map of keyword burst terms. [Results/Conclusions] There are more than 400 articles about soil microorganism area published in China every year, and the research in this field continues to draw attention. Northwest A&F University and University of Chinese Academy of Sciences are the key research institutions, and Shen Qirong, Yang Dianlin and Mao Zhiquan are the core author groups, which have made outstanding contributions to the development of this field. The research hotspots have evolved over time, and can be divided into four modules: First, indirect indicators of soil microorganisms (soil enzyme activity, soil uptake, soil microbial biomass carbon and nitrogen); second, mature development of research methods (Phospholipid-derived Fatty Acids, denaturing gradient Gel electrophoresis, Biolog-ECO technique, and high throughput sequencing); third, the visual representation of soil microorganisms (microbial community structure and functional diversity); Lastly, the impact of factors (soil type and land use, fertilization, crops, nitrogen deposition, and bio-char). The application of molecular biological methods such as high throughput sequencing and system biological methods, the development and utilization of bio-char, the influence of nitrogen deposition and the improvement measures should be paid more attention as the focus of future research.

Keywords: soil microorganism; CiteSpace; research hotspots; frontier trends